#### SEQUENCE LISTING

### SEO ID NO:1 (repA amino acid sequence)

MDFSSIKKSLGLINFRDLKKYILGLHQKLGNLHITNITNKKIETIFLFEKFINDLDNNTLTIRVTKDSLYFFNIANSYLR FLFSDVRKLSGKYSKLLVPYLMEFSHKKEAEFEKERFFNILEVEESYRNNLSDFNKRILKPAVEELKTLFENLKVERLKN GRVIKGYKFSWTNDFNFQNKKDNIEEAEVVEEKENIASGELEKYFKSTFTDVNYSKKHKEVLEKLLKNNSLEYIKKYLSE QWEYVQNDKNILNKSAYFSKLILEEKAVYKNHLPADYEELKVEERNRNIESTNTITSLKDLVEKDITDYEVRKNITPEQI EQEVLFKIDVTEEEYNKIKEDWIIKRKDEVPNSDPKLLEIIFNASQSKKYNIINTKEEVNEKEKELHELEENIKRMQEEL NKLKKEV

10

5

## SEQ ID NO:2 (repA nucleic acid sequence)

ATTTAGATAATAATACTTTAACTATAAGAGTAACAAAAGATTCTCTTTATTTTTTAATATTGCTAACAGTTATTTAAGG TTTCTCTTTTCAGATGTTAGAAAACTTTCAGGAAAATATTCAAAGTTATTGGTTCCTTATTTAATGGAGTTTAGTCATAA AAAAGAAGCTGAATTTGAAAAAGAGAGATTTTTTAATATTCTAGAAGTTGAAGAAAGTTATAGAAATAATTTATCAGATT TTAATAAGAGAATTCTAAAACCAGCTGTTGAAGAATTAAAAACACTTTTTGAAAAATTTAAAGGTTGAGCGATTAAAAAAT AGAAGTAGTGGAAGAAAAAGAAAATATTGCTTCAGGAGAGTTAGAAAAATATTTTAAATCAACTTTTACTGATGTAAATT ATACTAAAGAAGAAGTTAATGAAAAAGAAAAAGAGCTTCACGAATTAGAAGAAAATATAAAAAGAATGCAAGAAGAACT **AAATAAATTAAAAAAAGAGGTATAG** 

SEQ ID NO:3 (a 22 base pair iteron sequence within the origin of replication of plasmid pFN1)

**TCAACTTTAACAGGACAAATTT** 

# SEQ ID NO:4 (six copies of the iteron within the origin of replication of plasmid pFN1)

TCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTT
TCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTT
TCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTT

SEQ ID NO:5 (the RepA homolog nucleotide sequence of plasmid pAD52)

10

6

### SEQ ID NO:6 (the entire sequence of the plasmid pFN1)

TTAATTTTCTTCGGTACTTATAGGGGGATGACCCCTATAACCCCTGCGAGTTGATTTTATAAAATTCTTGCAGGGACAG

- TGCAATTATTTTATAAAACCAACTTTAAAGAGAGTGATAATAATGATTAAATTTACATTAAGATTAATAATAATGATTAA
  ATTTACATTAAGATTAACGGAAGATGAAAAAAACTTTTAGATATAAAAGCTGATGAATTAGGTAAATCAAAAAATGAAG
  TTTTAAAGTTTCTTATAAACAATAAATTGGAAGATACTAAAAAAGAATTTGACCTATTAAATGAGCTTGATAAAAAATTAT
  AAAGAGCTAGGTTTTCAGATTAAAAAAAAATTGGAGTAGTTTTAAATCAGATTAATAAAAATTTTTATGAAGAAAAACTAAA
  ACAGATTGAAGAAAATCCAAGGAGCGTTAGATGAATTATGGCAGTCTATAAAAGTGTCAAAGGAGTAGGAAAAACTAAA
- 30 AG
  CAGTITATACAATATTTTAAAGTATGTAGGAAGTCAAAATGAAAAAGAAAAAGATGATAGAGTTTATAAAACTACTGGTA
  TAAATGTTAGTGATGATTATAAAAAAAGCTTTTAAAGAAATGATGATAACAAAAGAGCTTCATTGTAAGTTAGACGGTAGA
  CAATATAGACACCATATTCAATCTTTTAAACCTGGTGAAGTAGATGAAGAAACAGCACATAAAATGGCAGTAGAATTTG
  C
- 40 ATAAAATGGAGCTGGCAAAAGATATAAAAAGAGCTTCCAAGAATTGTAAATCAAAAGAAGATTTTATAAAAGCATTAGA
  T
  GAAAAAGGTGTTATTGTGGATTGGGAAGACCATAAAAAAACATATAACTTTTAAATTTAAAGATGAGAAAAAGAAATCAAT



TAGATTAGCAAATTTAGAAAAAACTTTCCAAGATGAAACTTTTAAAAAGGAATACCTGGAACAGCAATTTTTAATAAATC
AAAAAACTGAAGAAAATAGGAAATTTCAAAAATTAAAGTTAATACTGAAGCTGAAAAAAACTAATGAAGAAAAAATATCAAGAG
CTTCTAAATAAAAAGAGAGAACAAGATAAATTAATAGCTGAAGAAAAATTGAAAAAAGCAAAAAGAAGAAAATTGAGAAAA
.

- 15 Α GCCTATGTAAGTAATGTAGAAAGTATTAAAAAAAATAAAGATAGCAAGAAGAAAAAATAAAAGCTTCAGTAAGATAAAAA AGCAATAAACATTTAATTTATTGCTTTTTTATTTTATAGTTTAGTCATTGAGGGTAAATTTTTATAG<del>T</del>AATATATTAC AACAATATTACTATATTACTTTTTAACATTCTTTAGAAACATATCCATAATATAGTTCATTAGACTTGCGACAGTTATTC 20 TAAATTTTCTTCATTAAACAAACTATTATATTTTTCTGGAACTGTCAATTGAAATTCTTGCTTTTCATTTATATTACTTT TTATATTACTATCTATATTACTTACACTTTCAGGAAACTTCTTCAGGGCTTCACAAAATCTTTTAAAGTTTCATCAACA TAAGTCATAACAGCTTTTTTTATCCCTTTTGGAGCATAATTAACTTTTACATCATCTATGAATGTAACATCATAAGTTCC ATTCTCTAGTTTTGTAATCTCATTAATTTTTTCTAAATATTTTTTAGCAAGACCCAAACCTTGTACCATAAAAAATCACT CCCCTTTTTATCTTAGTAATATATATTACTATAATATTACTAAATTTTAACATAGCATAAATACACAAGTTCAATCGGTA 25 ATATTTATTACTACAATATTACTTTATTACTTCAACAGTATACACCTGTTTTTATAAAAAATAAAGAGTTTTTTTATGC AGAAAAAATATTAAAATAAATTTTATAAAAAAATCTCTAAAATCATTTTTAAGGCTTTTTATTTTATTGAGCCATACTTTT TATTGTTAAAATGTCTAAAATCATTTTTAGGGGTATCCTAGGACTTTTAAATTGATTTTAAATGCTGTTTGTGTGTTAAA CTTCTTTATGTTTTTTAAATAAAAAAAGTTAGGCATTGTGAGAGTCCTAACTTTTTATGTCGTTTTGTTCAAGCAACGG ATACTTTGTTGCTATGTTTCAAACTAATTATATCACATTCAATTTTTAATTTCAATATGTTATTAATTCTAATTGTCGTT: 30 GCAGTTATATTAATATGGTTTCACATTATCACAAGTTTATTAGCATAGTTCTTGTAAAAAAATAATGCTAGAGAGTTAGTA TATAATAATATATAATAATATATAATACAGCACTCATTTTTCTTTTTAATAGCAATGTAAAACAAAAAGATAACAGG 35 ACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACT TTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTTCATTGACAGTCTTATATTAT TGGTGTATAATGTTTTTATGAAATAAAATTTCCATAAAAGGAGCTGAAGATTTTAGTGAATAATGATTTAGTAAAAGTAC ATAAAGATTTTACCAAATTAAATATAGGGACATTAAGTGAAAAAGAATTAGAATTATTTTATTATATATGTTTAAATGTA 40 TCTTTTTATTTGAAAAATTCATAAATGATTTAGATAATAATACTTTAACTATAAGAGTAACAAAAGATTCTCTTTATTTT TTTAATATTGCTAACAGTTATTTAAGGTTTCTCTTTTCAGATGTTAGAAAACTTTCAGGAAAATATTCAAAGTTATTGGT

#### 10 **SEQ ID NO:7** (A primer sequence)

5'-CCTGG TGAAGTAGATGAAG-3'

#### SEQ ID NO:8 (A primer sequence)

5'-TTAGTTTTAGCAATGGAAG-3'

15

20

i,d

LF

TŲ TŲ

 5

#### SEQ ID NO:9 (A primer sequence)

5'-ATGCTGGAGTGTGATATG-3'

#### SEQ ID NO:10 (A primer sequence)

5'-GTTGATTTTCCACTTTCGG-3'

#### SEQ ID NO:11 (an example of an imperfect repeat as an iteron)

TAAACTTTAACAGGACAAATTT

#### 25 SEO ID NO:12 (an example of an imperfect repeat as an iteron)

TCAACTTTAACAGGACCAATTT

# SEQ ID NO:13 (an example of an imperfect repeat as an iteron)

**TCAACTTTATCAGGACAAATTT** 

30

35

#### SEO ID NO:14 (a partial nucleotide sequence of plasmid pFN3)

ATAATATAAATGCAANTGACTTAAAAAAATTANATGAATTACAAATAATANAACANAAAAATTTAGATATTATAAAACTA

30

35

T





TTAACTAAGTTAGAAAGTGGTTNTAAAAGTNAAAAATANAATTTGCTACAGCTGANGAAACACANGAAAAAATTTTAAA CAATTTTAAATGATATAGTTCCAGCAACTAAAANAAATNACNAAAAACNTNCAGAACAACACCANTTTAGAAAAATNATNT NNATAGTTCAAANAAATNACTTCGNGAGAGGTCTGNTTAAGACACTTCAANNTTAANAGAGGNATTATTATATACCCCC T

5 TGTTTTAAATTTATTTTTAAATATACTTGCTATNTCGCCGNAATTGGGCTGCTTCNATNCTGCTGCTTTTTNCCNAGA AATTCCTATNATTTTTCCTCTTAACCCACTTTTAAATTAANNTCNTNCCTTTTCCNTTNTTTCCCTNTTGN

# SEQ ID NO:15 (the entire sequence of the plasmid pHS17)

- cacctgacgcgccctgtagcggcgcattaagcgcggcgggtgtggtggtggttacgcgcagcgtgaccgctacacttgccagc

  gccctagcgcccgctcctttcgctttcttcctttctcgccacgttcgccggctttccccgtcaagctctaaatcg
  ggggctccctttagggttccgatttagtgctttacggcacctcgaccccaaaaaacttgattagggtgatggttcacgta
  gtgggccatcgccctgatagacggtttttcgccctttgacgttggagtccacgttctttaatagtggactcttgttccaa
  actggaacaacactcaaccctatctcggtctattcttttgatttataagggatttgccgatttcggcctattggttaaa
  aaatgagctgatttaacaaaaatttaacgcgaattttaacaaaatattaacgcttacaatttccattcgcattcaggct
- - TGCCCGTTCGTTTTACGGGTCAGCACTTTACTATTGATAAAGTGCTAATAAAAGATGCAATAAAGACAAGCAAATATAAG
    T
  - AATCAGGATACGGTTTTAGATATTGGGGCAGGCAAGGGGTTTCTTACTGTTCATTTATTAAAAAATCGCCAACAATGTTG
  - TGCTATTGAAAACGACACAGCTTTGGTTGAACATTTACGAAAATTATTTTCTGATGCCCGAAATGTTCAAGTTGTCGGT
  - GTGATTTTAGGAATTTTGCAGTTCCGAAATTTCCTTTCAAAGTGGTGTCAAATATTCCTTATGGCATTACTTCCGATATT TTCAAAATCCTGATGTTTGAGAGTCTTGGAAATTTTCTGGGAGGTTCCATTGTCCTTCAATTAGAACCTACACAAAAGT
- G
  TTGTCAAGATGATTTTTTTGGTTTGGTGTCGTCTTTTTTTAAGCTGCCGCATAACGGCTGGCAAATTGGCGATGGAGC
- AAACGTAAAAGAAgTTATGGAAATAAGACTTAGAAGCAAACTTAAGAGTGTGTTGATAGTGCAGTATCTTAAAATTTTGT

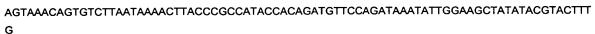
  40 ATAATAGGAATTGAAGTTAAATTAGATGCTAAAAATTTGTAATTAAGAAGGAGTGATTACATGAACAAAAATATAAAATA

  TTCTCAAAACTTTTTAACGAGTGAAAAAGTACTCAACCAAATAATAAAACAATTGAATTTAAAAGAAACCGATACCGTTT

  ACGAAATTGGAACAGGTAAAGGGCATTTAACGACGAAACTGGCTAAAATAAGTAAACAGGTAACGTCTATTGAATTAG

  AC
- AGTCATCTATTCAACTTATCGTCAGAAAAATTAAAACTGAATACTCGTGTCACTTTAATTCACCAAGATATTCTACAGTT

  45 TCAATTCCCTAACAAACAGAGGTATAAAAATTGTTGGGAGTATTCCTTACCATTTAAGCACACAAATTATTAAAAAAGTGG
  TTTTTGAAAGCCATGCGTCTGACATCTATCTGATTGTTGAAGAAGGATTCTACAAGCGTACCTTGGATATTCACCGAAC
  A
  - CTAGGGTTGCTCTTGCACACTCAAGTCTCGATTCAGCAATTGCTTAAGCTGCCAGCGGAATGCTTTCATCCTAAACCA



TTTCAAAATGGGTCAATCGAGAATATCGTCAACTGTTTACTAAAAATCAGTTTCATCAAGCAATGAAACACGCCAAAGT

- AAAAGATAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGA 15 CAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTTTCAACTTTAACAGGACAAATTTCATTGAC AGTCTTATATTATTGGTGTATAATGTTTTTATGAAATAAAATTTCCATAAAAGGAGCTGAAGATTT<del>T</del>AGTGAATAATGAT TTAGTAAAAGTACATAAAGATTTTACCAAATTAAATATAGGGACATTAAGTGAAAAAGAATTAGAATTATTTTATTATAT 20 AAAATTGAAACAATCTTTTTATTTGAAAAAATTCATAAATGATTTAGATAATACTTTAACTATAAGAGTAACAAAAGA TTCTCTTTATTTTTTAATATTGCTAACAGTTATTTAAGGTTTCTCTTTTCAGATGTTAGAAAACTTTCAGGAAAATATT CAAAGTTATTGGTTCCTTATTTAATGGAGTTTAGTCATAAAAAAGAAGCTGAATTTGAAAAAGAGAGATTTTTTAATATT CTAGAAGTTGAAGAAAGTTATAGAAATAATTTATCAGATTTTAATAAGAGAATTCTAAAACCAGCTGTTGAAGAATTAAA AACACTTTTTGAAAATTTAAAGGTTGAGCGATTAAAAAATGGAAGAGTAATAAAAGGATATAAATTTAGCTGGACTAATG 25 ATTTTAATTTTCAAAATAAGAAAGATAATATAGAAGAAGCAGAAGTAGTGGAAGAAAAAGAAAATATTGCTTCAGGAGA

45 AACTITAAAGAGAGTGATAATAATGATTAAATTTACATTAAGATTAATAATAATGATTAAATTTACATTAAGATTAACGG
AAGATGAAAAAAACTTTTAGATATAAAAGCTGATGAATTAGGTAAATCAAAAAAATGAAGTTTTAAAGTTTCTTATAAAC
AATAAATTGGAAGATACTAAAAAAGAATTTGACCTATTAAATGAGCTTGATAAAAAATTATAAAGGGCTAGGTTTTCAGAT
TAAAAAAATTGGAGTAGTTTTAAATCAGATTAAAAAAATTTTTATGAAGATAAGAAAATACAGATTGAAGAAAATCCAAG
GAGCGTTAGATGAATTATGGCAGTCTATAAAAGTGTCAAAGGAGTAGGAAAAACTAAAAGCAGTTTATACAATATTTTA

50 A



Ų

Ç

... 25

i i

ľŲ

□ □ 30

35



AGTATGTAGGAAGTCAAAATGAAAAAGAAAAAGATGATGAGTTTATAAAACTACTGGTATAAATGTTAGTGATGATTAT
AAAAAAGCTTTTAAAGAAATGATGATGATAACAAAAAGAGCTTCATTGTAAGTTAGACGGTAGACAATATAGACACCATATTCA
ATCTTTTAAACCTGGTGAAGTAGATGAAGAAACAGCACATAAAATGGCAGTAGAATTTGCAGAAAAAAATTTTAAAGGC
T

- 15 A
  AAGGTTTCGGAATAGGAGATTAAAAAATGGCTATATTAGATGATGATGAAATGAAGTTAAAAAATGTGAATGAGCAAGAA
  A
  TAAAAATGGATAGTTATATTAAAAAAAATAATTGAAAATGTTTTAGAAGTTCAGCTAAAAGAACATAAAGAAATAGCTTCC

ATTGCTAAAACTAAAATAGCTGAAGTAACTTTAGAACTAGAAAAATTAAAACAGCTGGAGAAAGCAACTACTAAATATA

- cggttatccacagaatcaggggataacgcaggaaagaacatgtgagcaaaaggccagcaaaaggccaggaaccgtaaaaa ggccgcgttgctggcgtttttccataggctccgccccctgacgagcatcacaaaaatcgacgctcaagtcagaggtggc gaaacccgacaggactataaagataccaggcgtttcccctggaagctccctcgtgcgctctcctgttccgaccctgccg cttaccggatacctgtccgcctttctcccttcgggaagcgtggcgctttctcatagctcacgctgtaggtatctcagttc ggtgtaggtcgttcgctccaagctgggctgtgtgcacgaaccccccgttcagcccgaccgctgcgccttatccggtaact atcgtcttgagtccaacccggtaagacaccactggtaagacaccactggtaacacaggattagcagaggg





### SEQ ID NO:16 (A forward primer to amplify repA gene sequence)

5'-GAC ATT AAG TGA AAA AG-3'

#### 10 SEQ ID NO:17 (A reverse primer to amplify a repA gene)

5'-ATG CTG GAG TGT GAT ATG-3'

# SEQ ID NO:18 (A forward primer to amplify the origin of replication including the AT-rich region, the iteron repeat sequences and the putative DnaA binding sites)

5'-ACG GAT ACT TTG TTG CT-3'

# SEQ ID NO:19 (A reverse primer to amplify the origin of replication including the AT-rich region, the iteron repeat sequences and the putative DnaA binding sites

5'-TAT CCT TTA CAT TTA-3'

# SEQ ID NO:20 (A forward primer to amplify the origin of replication and repA sequences combined)

5'-ACG GAT ACT TTG TTG CT-3'

# SEQ ID NO:21 (A reverse primer to amplify the origin of replication and repA sequences combined)

5'-ATG CTG GAG TGT GAT ATG-3'

30

5

ίħ

11

 20

25

15